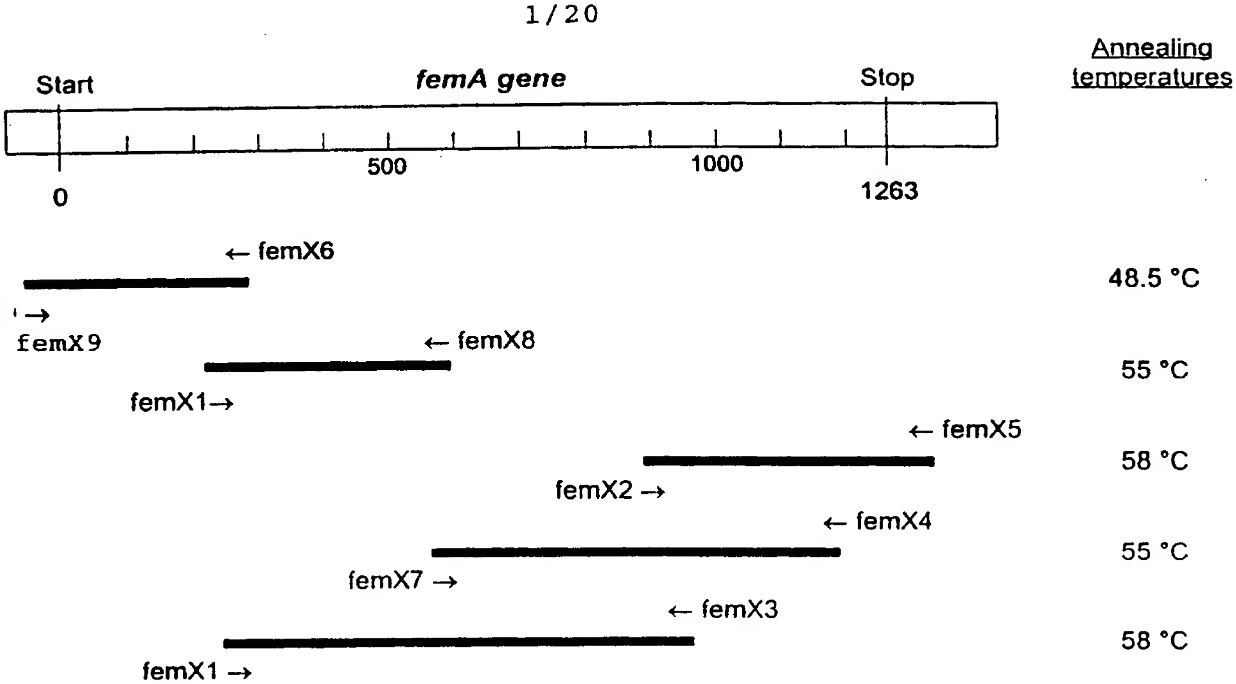


Oligonucleotides

femX1	TTCMAATCGCGGTCCAGT	213-230
femX2	CAAGAACATGGCAACGAATTACC	913-935
femX3	TGGGTAATTCGTTGCCATGTTCT	937-915
femX4	CCAAGCATCTTCAGCATCTTC	1133-1113
femX5	TTCTTTAACTGTTAACTCTGTAAATTTCA	1309-1281
femX6	ACATATTTACTTAATTCGTTAAAGAA	290-265
femX7	CAGAAAAAATGGTGTTAAAGTAAGATTT	559-585
femX8	AAGAAATCTTACTT TCACACCATTTTT	588-562
femX9	AACTCGAAAATAGAACTA	(-43)-(-26)

FIG. 1

FIG2a

```
S. haemolyticus   ---------- ----t----- -g-----a-- ---a--a-t -c---g--tg -caat-a--- a--taag--- c-at-t--t- ----c--a-- a-tgact-aa
S. hominis        aggagttata gag-t----- -g-----a-- ---a--a-t -c---a--tg -cgat-t--- t--aaaa--- c-at-t--c- ----t--a-- g-tgact-aa
S. aureus         aataggagta atg-t----- -g-----a-- ---a--a-t -a---g--tg -tgcc-t--- a--tagc--- c-at-c--t- ----c--g-- a-ctgtt-gc
S. epidermidis    gggagttatg aag-t----- -g-----g-- ---g--a-t -a---a--ta -tgac-t--- t--tcgt--- a-at-t--t- ----t--a-- a-tggaa-gt
S. saprophyticus  aggagtatat aaa-a----- -a-----g-- ---a--t--a -a---g--cg -tgca-t--- g--taaa--- c-ga-t--t- ----t--g-- a-tggtt-ga
       CONSENSUS  ---------- ---A-AATGA A-TTTAC-AA TTT-AC-GC- A-AGA-TT-- G----T-TAC -GA----ATG -C--A-AG-C ATTT-AC-CA -A-----G-- 100

S. haemolyticus   a-c--t--ga -g--ag---- aa-taaaaca --aa-t--ct ----t--t-- a--a--t--a g----t--g- -t-----a-- c--ca-gt-g --a--a--a-
S. hominis        a-t--t--gt -a--ag---- tg-gaaaact --aa-t--tt ----a--a-- t--a--t--a g----t--a- -c-----t-- t--ta-gc-a --t--t--a-
S. aureus         c-c--t--gt -a--gc---- tg-aggttat --aa-a--tt ----g--a-- a--a--c--t a----c--g- -c-----a-- t--ct-ac-t --t--t--a-
S. epidermidis    a-t--c--at -a--gg---- tg-aggtacc --gt-a--tt ----t--a-- t--a--t--t g----c--a- -g-----a-- t--tt-at-a --a--t--t-
S. saprophyticus  a-t--t--at -g--aa---- ag-aagtaca --aa-a--cc ----a--t-- t--g--t--t g----t--a- -a-----a-- a--tt-ac-t --a--t--t-
       CONSENSUS  -A-TA-GA-- T-AA--TTGC --A------- GA--C-CA-- TAGT-GG-AT -AA-AA-AA- -ATAA-GA-G T-ATTGC-GC -TG--T--T- AC-GC-GT-C 200

S. haemolyticus   -a--c----- -t-t--t--g --c------- -t--cc-a-- a--t--a--t ----a-g-t- -tag---g-- t--t--c-tt --------t- -g--aaca--
S. hominis        -c--t----- -a-t--t--a --t------- -a--tc-t-- t--a--c--t ----a-g-a- -caa---a-- c--t--c-tt --------c- -a--aagt--
S. aureus         -t--t----- -g-g--c--g --t------- -a--tc-c-- t--a--g--t ----a-g-a- -tca---a-- c--a--c-tt --------t- -a--atca--
S. epidermidis    -t--a----- -a-a--t--a --t------- -c--tc-c-- t--a--a--a ----a-a-t- -taa---g-- t--a--t-tt --------t- -a--gagt--
S. saprophyticus  -t--t----- -t-c--c--g --t------- -c--ta-a-- t--a--c--a ----t-g-a- -taa---a-- c--a--t-ac --------c- -a--agca--
       CONSENSUS  C-GT-ATGAA A-T-TT-AA- TA-TTTTATT C-AA--G-GG -CC-GT-AT- GATT-T-A-A A---AGA-CT -GT-CA-T-- TTCTTTAA-G A-TT----AA 300

S. haemolyticus   g---t-a--- c-gc-taa-t gtc----tg- tcgag-t--c --t--tt-ac -a-------- ttta------ --t--t--aa -taca-gt-- ---t--ta-t
S. hominis        a---t-a--- c-ac-aca-t gtt----tg- acgta-a--c --t--tt-gc -t-------- tcgt------ --t--t--ta -taca-ga-- ---t--ga-t
S. aureus         a---g-t--- a-ac-tcg-t gtc----cc- acata-c--t --a--tt-ac -a-------- cttg------ --t--c--ga -taca-gt-- ---t--ta-t
S. epidermidis    a---g-a--- a-at-taa-t gtt----tt- aagag-t--c --a--cc-tc -a-------- ttta------ --g--a--aa -aact-ga-- ---a--tc-t
S. saprophyticus  a---g-a--- a-ac-taa-g cct----tt- acgag-a--t --t--tc-tg -t-------- tcgt------ --t--t--ag -atta-ca-- ---g--tc-c
       CONSENSUS  -TAT-T-AAA -A--A---T- ---TATA--T -----T-GA- CC-TA--T-- C-TATCAATA ----AATCAT GA-GG-GA-- T----G--AA TGC-GG--A- 400

S. haemolyticus   ------t-c- -t---a-ga- gaagcatc-c --a-t-g-a- -tgaa--c-- tact-aa--t -----t--ga -taaa----- cc-a-at--t --t--tt--g
S. hominis        ------t-c- -c---a-aa- gaaacaat-a --a-a-c-a- -cgaa--g-- taca-ca--a -----t--aa -atta----- tc-g-tc--t --a--tt--a
S. aureus         ------t-c- -t---a-aa- gagtaact-a --a-t-g-a- -tact--a-- ccat-aa--a -----t--tg -gcta----- tc-t-at--c --a--gt--g
S. epidermidis    ------a-t- -t---g-at- agagagtt-a --a-a-a-a- -cgaa--a-- ccac-aa--a -----t--tg -atta----- cc-a-at--t --t--tc--a
S. saprophyticus  ------a-t- -t---a-aa- gaaacaac-c --t-a-a-g- -tgaa--t-- ttta-ct--c -----c--aa -actt----- aa-a-tc--t --t--tt--g
       CONSENSUS  GATTGG-T-T T-GAT-A--T --------T- GG-T-T-A-C A----GG-TT ----A--GG- TTTGA-CC-- T----CAAAT --G-T--CA- TC-GT--TA- 500

S. haemolyticus   -----aaaaa t----cat-t a-a--ta-at -a--tgga-- ----a-tc-a c-t--ac-t- -t--t----- ---tc-a--a -----t--g- ----taag--
S. hominis        -----aagga t----ctg-t a-a--tg-at -a--tgga-- ----a-tt-a c-a--aa-a- -t--t----- ---cc-a--a -----t--t- ----aaga--
S. aureus         -----aaaga t----cag-a g-t--ca-ca -t--aaat-- ----g-ac-t a-a--aa-a- -c--g----- ---ta-a--g -----t--t- ----aaga--
S. epidermidis    -----gcaaa c----gtg-t a-t--tg-tt -a--aaac-- ----g-tt-a a-a--gc-t- -t--t----- ---ta-g--a -----a--t- ----ccgc--
S. saprophyticus  -----gctgg a----ctg-t a-a--cg-ac -t--tggt-- ----a-tt-a c-t--ac-a- -t--t----- ---ac-g--a -----t--g- ----aaga--
       CONSENSUS  ATTTA----- -AAAA---C- -A-GA--T-- T-AA----AT GGAT-G--T- -G-AA--G-A A-AC-AAAAA AGT--A-AA- AATGG-GT-A AAGT----TT 600

S. haemolyticus   ct-atcag-- --a--ac-t- -a--c--cc- t-----t--- --a-----aa -c--aa-g-- a-aa--ccaa ---a--a-t- -tagt--c-- t--t--tc-c
S. hominis        tc-tacta-- --a--at-a- -t--t--ca- a-----t--- --a-----at -a--ga-t-- a-aa--ttct ---a--a-g- -tagt--t-- c--t--tc-a
S. aureus         tt-atctg-- --a--ac-a- -a--t--ta- a-----t--- --a-----gt -a--at-a-- a-ct--tgct ---c--t-t- -caaa--t-- c--c--tc-c
S. epidermidis    tt-atctg-- --a--gt-a- -t--a--ta- g-----t--- --g-----ct -t--aa-t-- a-at--tgca ---a--a-a- -tagt--t-- t--c--ca-a
S. saprophyticus  tt-aggtg-- --t--gt-g- -a--a--cc- c-----c--- --a-----tt -t--aa-a-- g-at--tgac ---a--a-t- -cgat--t-- t--t--ta-g
       CONSENSUS  --T-----AA GA-GA--T-C C-AT-TT--G -TCATT-ATG GA-GATAC-- C-GA--C-AA -G--TT---- GAT-G-GA-G A----TT-TA -TA-AA--G- 700
```

FIG.2b

```
S. haemolyticus    -atagac--- tc-----tca c--gc-t--a --ac-a--t- ----ta-g-- ------g--c a-cgaa---t -ac-aaat-- ac-tg-aact t-a-a-----
S. hominis         -ttgatc--- tt-----tag a--at-a--a --tc-c--a- ----aa-a-- ------a--t c-tgaa---c -tc-tgca-- ac-tc-gaca t-a-a-----
S. aureus          -taaaat--- ac-----ccg t--gt-a--a --tt-a--g- ----ca-c-- ------a--t a-taaa---c -aa-cgaa-- gc-tg-tatt t-a-a-----
S. epidermidis     -tcaaac--- at-----ccg t--tt-a--a --ac-a--c- ----ta-c-- ------g--t a-agag---c -aa-taat-- aa-aa-tgtg c-t-a-----
S. saprophyticus   -taagat--- at-----tcg t--gc-t--c --at-a--t- ----gg-t-- ------a--t a-aaca---t -aa-ggct-- ac-cg-agta t-a-g-----
   CONSENSUS       T------ATT --AAAGA--- -GT--T-GT- CC--T-GC-T ATAT--A-TT TGATGA-TA- -T----GAA- T--A----GA --G--A---- -T-A-TAAAG 800

                   801
S. haemolyticus    -tgtt--t-- ---tt-a--a --t--t--a- --c-a--a-- c--t-----g --attt--t- -aaaagaa-- tc-tg--a-a ---t-agat- -c--tc-a--
S. hominis         -ctta--c-- ---tc-a--a --t--t--a- --c-a--a-- t--c-----a --acaa--t- -aaaaata-- tt-ag--c-g ---t-aaaa- -a--tg-g--
S. aureus          -ttta--t-- ---gt-a--g --t--t--a- --c-t--t-- a--t-----a --acat--c- -gcgagat-- ct-ac--c-a ---c-tgat- -a--tg-g--
S. epidermidis     -ttat--t-- ---tt-a--a --c--t--g- --c-t--a-- g--t-----a --acat--c- -aaaggaa-- tt-ag--c-a ---c-cgat- -a--tc-g--
S. saprophyticus   -tata--t-- ---ag-t--g --t--a--a- --a-a--a-- a--t-----a --gtat--t- -aaaagaa-- tt-ag--c-a ---c-gatt- -a--cc-a--
   CONSENSUS       A----AA-AA AGC--T-AA- GA-AT-GA-A AA-G-CC-GA -AA-AAAAA- GC----AA-A A-------AA --T--AA-A- CAA-T----G C-AA--A-CA 900

                   901
S. haemolyticus    ---at-ag-c --g-ct-aaa aat-ac--gc cg-a-----t --t------- -a--t--a-- a-gt-t---c t-t--t---- -a-t------ t--t--t--t
S. hominis         ---aa-tg-t --a-ca-cac aac-tc--tt ag-a-----t --c------- -a--a--t-- t-ga-t---c t-t--t---- -a-t------ t--a--t--t
S. aureus          ---ga-tg-a --a-gt-aac gtc-ac--ga ag-a-----t --t------- -t--c--t-- t-gt-t---c t-t--c---- -a-t------ t--t--t--t
S. epidermidis     ---aa-ta-t --a-ct-aaa act-aa--ca ag-a-----c --t------- -c--c--t-- t-gc-t---t a-a--t---- -g-t------ a--t--c--c
S. saprophyticus   ---aa-ag-t --a-cc-ctg cgt-ac--ga ga-g-----t --c------- -g--t--t-- a-ct-a---t a-t--t---- -t-a------ c--t--c--t
   CONSENSUS       AAA--T--A- GA-G--A--- ---T--AA-- --A-CATGG- AA-GAATTAC C-AT-TC-GC -G--T-CTT- -T-AT-AATC C-T-TGAAGT -GT-TA-TA- 1000

                   1001
S. haemolyticus    --a-----a- -t--t---aa a-ata-a--t --t--a--c- -t-----ta- t------aca --------c- ----aa-tg- t---ggt--t g-ta-a--c-
S. hominis         --a-----a- -g--a---aa a-ata-a--c --c--t--a- -t-----ag- t------act --------t- ----aa-tg- t---ggc--t g-cc-t--t-
S. aureus          --t-----t- -a--a---gc a-tcc-t--t --t--c--a- -t-----ag- g------gaa --------t- ----at-aa- t---ggc--t g-cc-t--t-
S. epidermidis     --t-----a- -t--a---cg t-atc-c--t --t--a--g- -c-----gg- t------aag --------c- ----aa-tg- a---ggt--t a-tc-g--t-
S. saprophyticus   --a-----t- -a--t---ga a-tta-a--t --t--t--t- -t-----aa- a------aag --------t- ----ta-ag- t---aat--a g-ta-a--t-
   CONSENSUS       GC-GGTGG-A C-TC-AAT-- -T---G-CA- TT-GC-GG-A G-TATGC--T -CAATGG--- ATGATTAA-T ATGC--T--A -CAT---AT- -A--G-TA-A 1100

                   1101
S. haemolyticus    ----c----- ta----c--- a-t----gt- -a--c--t-- -----tt--a --ca-t--a- -t-----a-- t-tca----a --cg-aa-t- -g--t-----
S. hominis         ----t----- ga----t--- c-t----ca- -t--t--t-- -----ca--t --tg-a--a- -t-----a-- a-tta----a --tg-aa-t- -a--t-----
S. aureus          ----c----- tg----t--- a-a----ca- -a--t--t-- -----ct--t --ag-t--a- -c-----a-- t-aca----t --aa-ta-t- -a--t-----
S. epidermidis     ----c----- ta----t--- g-c----gt- -a--t--t-- -----ct--c --ag-t--g- -t-----g-- c-atg----c --tg-ta-a- -a--c-----
S. saprophyticus   ----t----- ta----t--- c-t----ct- -a--t--a-- -----ca--t --tg-t--a- -t-----a-- t-tta----a --tg-ag-a- -a--t-----
   CONSENSUS       ATTT-TATGG --TTAG-GGT -A-TTTA--G A-GA-GC-GA AGATG--GG- GT--T-AA-T T-AAAAA-GG -T---ATGC- GA--T--T-G A-TA-GTTGG 1200

                   1201
S. haemolyticus    a--c--tg-g -----t--t- -c--a--tt- g--ttcagtg ----aga--c -c-----ga- ta-aaaa-ga tttaat--aa g-ggggaat- gacg-atatg
S. hominis         t--t--cg-t -----t--a- -t--a--aa- g--ttcacta ----caa--c -t-----aa- ta-aaag-ga ttgaat--ag a-ggggaat- gtga-a----
S. aureus          t--c--ta-t -----a--t- -t--a--tg- t--cgcagca ----ccg--c -t-----ag- ta-agac-ga attttt--gg a-gggaatt- tcaa-ac---
S. epidermidis     t--c--ta-t -----t--t- -t--a--aa- g--taacatt ----gaa--c -t-----ac- ..-aaga-at agattt--ag a-gggaatt- tcta-tt---
S. saprophyticus   t--t--ta-t -----g--t- -t--g--aa- g--caaaatt ----cga--t -g-----aa- ta-ggat-aa aagaaa--aa c-taaatag- agag-actaa
   CONSENSUS       -GA-TT--T- AAACC-AT-A A-AA-CC--T -TA------- TATA---CA- T-AAAAA--T --A----A-- ------TA-- -A-------A ----A----- 1300

                   1301                1329
S. haemolyticus    ------atga aatttacag agttaaac
S. hominis         ---------- --------- -------
S. aureus          ------atga aatttacag agttaacct
S. epidermidis     ------atga aatttacag agttaaca
S. saprophyticus   gctagaatga aatttacag agttaac
   CONSENSUS       ------ATGA AATTTACAG AGTTAA---
```

NNNNNNNNNN NNNANAATGA ANTTTACNAA TTTNACNGCN ANAGANTTNN GNNNNTNTAC NGANNNNATG NCNNANAGNC ATTTNACNCA NANNNNNGNN
NANTANGANN TNAANNTTGC NNANNNNNNN GANNCNCANN TAGTNGGNAT NAANAANAAN NATAANGANG TNATTGCNGC NTGNNTNNTN ACNGCNGTNC
CNGTNATGAA ANTNTTNAAN TANTTTTATT CNAANNGNGG NCCNGTNATN GATTNTNANA ANNNAGANCT NGTNCANTNN TTCTTTAANG ANTTNNNNAA
NTATNTNAAA NANNANNNTN NNNTATANNT NNNNNTNGAN CCNTANNTNN CNTATCAATA NNNNAATCAT GANGGNGANN TNNNNGNNAA TGCNGGNNAN
GATTGGNTNT TNGATNANNT NNNNNNNNTN GGNTNTNANC ANNNNGGNTT NNNNANNGGN TTTGANCCNN TNNNNCAAAT NNGNTNNCAN TCNGTNNTAN
ATTTANNNNN NAAAANNNCN NANGANNTNN TNAANNNNAT GGATNGNNTN NGNAANNGNA ANACNAAAAA AGTNNANAAN AATGGNGTNA AAGTNNNNTT
NNTNNNNNAA GANGANNTNC CNATNTTNNG NTCATTNATG GANGATACNN CNGANNCNAA NGNNTTNNNN GATNGNGANG ANNNNTTNTA NTANAANNGN
TNNNNNNATT NNAAAGANNN NGTNNTNGTN CCNNTNGCNT ATATNNANTT TGATGANTAN NTNNNNGAAN TNNANNNNGA NNGNNANNNN NTNANTAAAG
ANNNNAANAA AGCNNTNAAN GANATNGANA AANGNCCNGA NAANAAAAAN GCNNNNAANA ANNNNNNNAA NNTNNAANAN CAANTNNNNG CNAANNANCA
AAANNTNNAN GANGNNANNN NNNTNNAANN NNANCATGGN AANGAATTAC CNATNTCNGC NGNNTNCTTN NTNATNAATC CNTNTGAAGT NGTNTANTAN
GCNGGTGGNA CNTCNAATNN NTNNNGNCAN TTNGCNGGNA GNTATGCNNT NCAATGGNNN ATGATTAANT ATGCNNTNNA NCATNNNATN NANNGNTANA
ATTTNTATGG NNTTAGNGGT NANTTTANNG ANGANGCNGA AGATGNNGGN GTNNTNAANT TNAAAAANGG NTNNNATGCN GANNTNNTNG ANTANGTTGG
NGANTTNNTN AAACCNATNA ANAANCCNNT NTANNNNNNN TATANNNCAN TNAAAAANNT NNANNNNANN NNNNNNTANN NANNNNNNNA NNNNANNNNN
NNNNNNATGA AATTTACAG AGTTAANNN

FIG.3 CONSENSUS SEQUENCE

220 bases	*S.aureus*	*S.epidermidis*	*S. hominis*
S.aureus	-	-	-
S.epidermidis	17.7	-	-
S.hominis	13.2	16.8	-
S.saprophyticus	17.3	18.6	16.8

Base % (non apparïated) between the primers bioU1 and bioU3

FIG4a

FIG.4b

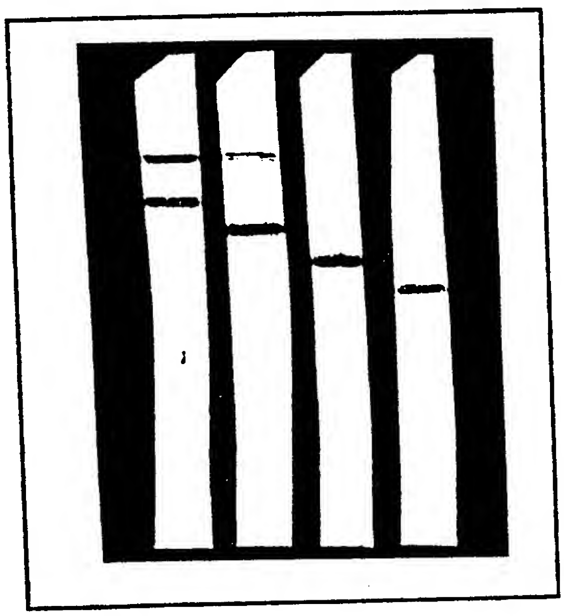
1 : mecA

2: femA Sau

3. femA Sep

4. femA Sho

5. femA Ssa



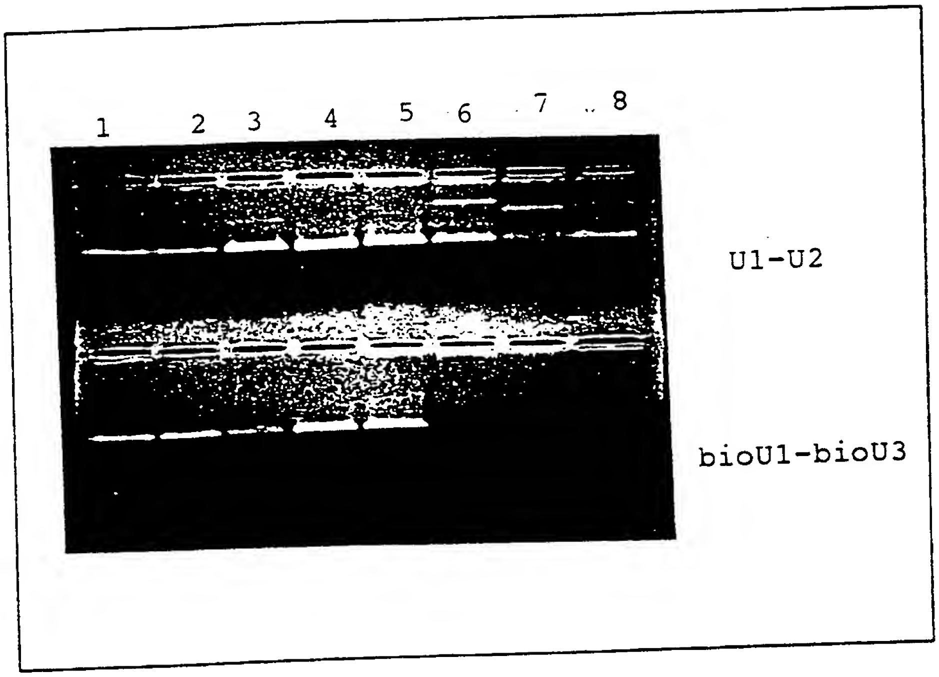


FIG.5

AMPLIFICATION of CNS SPECIES under UNIVERSAL CONDITIONS.

(1) : S. haemolyticus
(2) : S. capitis
(3) : S. cohnii
(4) : S. xylosus
(5) : S. simulans
(6) : S. lugdunensis
(7) : S. schleiferi
(8) : S. warneri

Th(reaction PCR) = 48°C

S. haemolyticus FIG.6a

```
10                                30                                50
.                .                .                .                .
ATAATGAAGTTTACAAATTTAACAGCTACAGAGTTTGGCAATTATACAGATAAGATGCCA
   MetLysPheThrAsnLeuThrAlaThrGluPheGlyAsnTyrThrAspLysMetPro

70                                90                                110
.                .                .                .                .
TATAGTCATTTCACACAAATGACTGAAAACTATGAGATGAAAGTTGCAAATAAAACAGAA
TyrSerHisPheThrGlnMetThrGluAsnTyrGluMetLysValAlaAsnLysThrGlu

130                               150                               170
.                .                .                .                .
ACTCACTTAGTTGGTATAAAAAATAAAGATAATGAGGTTATTGCAGCCTGCATGTTGACA
ThrHisLeuValGlyIleLysAsnLysAspAsnGluValIleAlaAlaCysMetLeuThr

190                               210                               230
.                .                .                .                .
GCAGTACCAGTCATGAAATTTTTTAAGTACTTTTATTCTAACCGAGGACCTGTAATTGAT
AlaValProValMetLysPhePheLysTyrPheTyrSerAsnArgGlyProValIleAsp

250                               270                               290
.                .                .                .                .
TATGATAATAGAGAGCTTGTTCACTTTTTCTTTAATGAGTTAACAAAGTATTTAAAACAG
TyrAspAsnArgGluLeuValHisPhePhePheAsnGluLeuThrLysTyrLeuLysGln

310                               330                               350
.                .                .                .                .
CATAATTGTCTATATGTTCGAGTTGACCCTTATTTACCATATCAATATTTAAATCATGAT
HisAsnCysLeuTyrValArgValAspProTyrLeuProTyrGlnTyrLeuAsnHisAsp

370                               390                               410
.                .                .                .                .
GGTGAAATTACAGGTAATGCTGGTAATGATTGGTTCTTTGATAAGATGAAGCATCTCGGA
GlyGluIleThrGlyAsnAlaGlyAsnAspTrpPhePheAspLysMetLysHisLeuGly

430                               450                               470
.                .                .                .                .
TTTGAACATGAAGGCTTTACTAAAGGTTTTGATCCGATTAAACAAATCCGATATCATTCT
PheGluHisGluGlyPheThrLysGlyPheAspProIleLysGlnIleArgTyrHisSer

490                               510                               530
.                .                .                .                .
GTTTTAGATTTAAAAAATAAAACATCTAAAGATATATTAAATGGAATGGATAGTCTACGT
ValLeuAspLeuLysAsnLysThrSerLysAspIleLeuAsnGlyMetAspSerLeuArg

550                               570                               590
.                .                .                .                .
AAACGTAATACTAAAAAAGTTCAAAAAAATGGTGTGAAAGTTAAGTTCTTATCAGAAGAA
LysArgAsnThrLysLysValGlnLysAsnGlyValLysValLysPheLeuSerGluGlu

610                               630                               650
.                .                .                .                .
GAACTTCCAATCTTCCGTTCATTTATGGAAGATACAACCGAAACGAAAGAATTCCAAGAT
GluLeuProIlePheArgSerPheMetGluAspThrThrGluThrLysGluPheGlnAsp

670                               690                               710
.                .                .                .                .
AGAGATGATAGTTTCTATTATAATCGCTATAGACATTTCAAAGATCACGTGCTTGTACCA
ArgAspAspSerPheTyrTyrAsnArgTyrArgHisPheLysAspHisValLeuValPro
```

```
     730                 750                 770
CTAGCTTATATTAAGTTTGATGAGTACATCGAAGAATTACAAAATGAACGTGAAACTTTA
LeuAlaTyrIleLysPheAspGluTyrIleGluGluLeuGlnAsnGluArgGluThrLeu

     790                 810                 830
AATAAAGATGTTAATAAAGCTTTAAAAGATATTGAAAAACGACCAGACAATAAAAAGGCA
AsnLysAspValAsnLysAlaLeuLysAspIleGluLysArgProAspAsnLysLysAla

     850                 870                 890
TTTAATAAAAAAGAAAATCTTGAAAAACAATTAGATGCCAATCAACAAAAATTAGACGAG
PheAsnLysLysGluAsnLeuGluLysGlnLeuAspAlaAsnGlnGlnLysLeuAspGlu

     910                 930                 950
GCTAAAAAATTACAAGCCGAACATGGTAATGAATTACCAATTTCAGCAGGTTTCTTCTTT
AlaLysLysLeuGlnAlaGluHisGlyAsnGluLeuProIleSerAlaGlyPhePhePhe

     970                 990                1010
ATTAATCCATTTGAAGTTGTTTATTATGCAGGTGGAACTTCTAATAAATATAGACATTTT
IleAsnProPheGluValValTyrTyrAlaGlyGlyThrSerAsnLysTyrArgHisPhe

    1030                1050                1070
GCAGGCAGTTATGCTATTCAATGGACAATGATTAACTATGCAATTGATCATGGTATTGAT
AlaGlySerTyrAlaIleGlnTrpThrMetIleAsnTyrAlaIleAspHisGlyIleAsp

    1090                1110                1130
AGATACAATTTCTATGGTATTAGCGGTAATTTTAGTGAAGACGCTGAAGATGTTGGAGTC
ArgTyrAsnPheTyrGlyIleSerGlyAsnPheSerGluAspAlaGluAspValGlyVal

    1150                1170                1190
ATTAAATTTAAAAAAGGTTTCAATGCAGACGTAATTGAGTATGTTGGAGACTTTGTGAAA
IleLysPheLysLysGlyPheAsnAlaAspValIleGluTyrValGlyAspPheValLys

    1210                1230                1250
CCTATTAACAAACCTTTGTATTCAGTGTATAAGACACTCAAAAAGATTAAAAAAAGATTT
ProIleAsnLysProLeuTyrSerValTyrLysThrLeuLysLysIleLysLysArgPhe

    1270                1290
AATTAAAGAGGGGAATAGACGAATATGAAATTTACAGAGTTAAAC
AsnEndArgGlyGluEndThrAsnMetLysPheThrGluLeuAsn
```

FIG.6b

S. lugdunensis FIG.7a

```
         10                             30                             50
ACAGCAAATGAATTCGGTGATTTCACAGATCAAATGCCATATAGTCATTTTACTCAAATG
ThrAlaAsnGluPheGlyAspPheThrAspGlnMetProTyrSerHisPheThrGlnMet

         70                             90                            110
ACAGGTAACTATAATTTAAAAGTTGCCGAAAAAACAGAAACACATTTAGTTGGTGTTAAA
ThrGlyAsnTyrAsnLeuLysValAlaGluLysThrGluThrHisLeuValGlyValLys

        130                            150                            170
AATAATAATAACGAAGTAATTGCAGCATGTTTATTGACAGCTGTACCAGTCATGAAGTTT
AsnAsnAsnAsnGluValIleAlaAlaCysLeuLeuThrAlaValProValMetLysPhe

        190                            210                            230
TTTAAATACTTTTACAGCAATAGAGGCCCAGTTATAGATTATGCTAACCAAGAACTTGTA
PheLysTyrPheTyrSerAsnArgGlyProValIleAspTyrAlaAsnGlnGluLeuVal

        250                            270                            290
CATTTTTTCTTTAATGAGCTAACTAAATATTTAAAAAAGTATAACTGTCTCTATGTCCGC
HisPhePhePheAsnGluLeuThrLysTyrLeuLysLysTyrAsnCysLeuTyrValArg

        310                            330                            350
ATAGATCCATACTTACCTTATCAATATAGAGACCATGACGGTAATATAACGGCAAATGCT
IleAspProTyrLeuProTyrGlnTyrArgAspHisAspGlyAsnIleThrAlaAsnAla

        370                            390                            410
GGCAATGATTGGTTTTTCAATAAAATGGAACAACTCGGATACCATCATGATGGCTTTACA
GlyAsnAspTrpPhePheAsnLysMetGluGlnLeuGlyTyrHisHisAspGlyPheThr

        430                            450                            470
ACAGGATTTGATCCAATATTACAAATCAGATTCCATTCTATTCTTAATTTAAAGGATAAG
ThrGlyPheAspProIleLeuGlnIleArgPheHisSerIleLeuAsnLeuLysAspLys

        490                            510                            530
ACAGCTAAAGATGTTTTAAATAATATGGATAGTTTACGTAAAAGAAATACCAAAAAAAGT
ThrAlaLysAspValLeuAsnAsnMetAspSerLeuArgLysArgAsnThrLysLysSer

        550                            570                            590
TCAAAAAATGGAGTCAAAGTAAAGTTCCTTACTGAAGAAGAACTACCTATCTTTCGTTCA
SerLysAsnGlyValLysValLysPheLeuThrGluGluGluLeuProIlePheArgSer

        610                            630                            650
TTTATGGAGCAGACGTCAGAATCTAAAGAATTCTCTGATAGAGACGACCAATTTTATTAC
PheMetGluGlnThrSerGluSerLysGluPheSerAspArgAspAspGlnPheTyrTyr

        670                            690                            710
AATCGGTTTAAGTACTATAAAGATAGGGTGCTTGTGCCTCTAGCATATTTAAAATTTGAT
AsnArgPheLysTyrTyrLysAspArgValLeuValProLeuAlaTyrLeuLysPheAsp
```

```
730                                   750                                   770
GAATATATAGAAGAACTAACGAATGAACGACAAACTTTAGAAAAAGATTTAGGCAAAGCA
GluTyrIleGluGluLeuThrAsnGluArgGlnThrLeuGluLysAspLeuGlyLysAla

790                                   810                                   830
CTTAAAGACATTGAGAAACGACCAGATAACAAAAAAGCTTATAATAAACGAGACAACCTA
LeuLysAspIleGluLysArgProAspAsnLysLysAlaTyrAsnLysArgAspAsnLeu

850                                   870                                   890
CAACAACAACTCGATGCCAATCAACAAAAGTTAAATGAGGCTAATCAGTTACAAGCGGAA
GlnGlnGlnLeuAspAlaAsnGlnGlnLysLeuAsnGluAlaAsnGlnLeuGlnAlaGlu

910                                   930                                   950
CACGGTAATGAGTTACCTATCTCTGCCGGTTTCTTTATTATTAATCCGTTTGAAGTTGTA
HisGlyAsnGluLeuProIleSerAlaGlyPhePheIleIleAsnProPheGluValVal

970                                   990                                   1010
TACTACGCTGGAGGTACCGCTAATAAATATCGTCATTTTGCAGGTAGTTACGCGGTTCAG
TyrTyrAlaGlyGlyThrAlaAsnLysTyrArgHisPheAlaGlySerTyrAlaValGln

1030                                  1050                                  1070
TGGACTATGATTAACTATGCTATCGAACACGGCATAGACAGATATAATTTCTACGGCATT
TrpThrMetIleAsnTyrAlaIleGluHisGlyIleAspArgTyrAsnPheTyrGlyIle

1090                                  1110                                  1130
AGTGGAAACTTCTCAGATGATGCTGAAGACGCAGGTGTCATTCGCTTTAAAAAAGGTTAT
SerGlyAsnPheSerAspAspAlaGluAspAlaGlyValIleArgPheLysLysGlyTyr

1150                                  1170                                  1190
GGTGCAGAAGTGATTGAATACGTTGGTGATTTTGTAAAACCTATAAATAAACCTATGTAT
GlyAlaGluValIleGluTyrValGlyAspPheValLysProIleAsnLysProMetTyr

1210                                  1230                                  1250
AAACTTTATTCAGTGTTAAAACGAATTCAAAATAAGCTATAGAGGAGAATGGATTAATTA
LysLeuTyrSerValLeuLysArgIleGlnAsnLysLeuEndArgArgMetAspEndLeu

1270
TGAAATTTACAGAGTTTAAC
EndAsnLeuGlnSerLeu
```

FIG.7b

S. xylosus FIG.8a

```
10                     30                     50
ACGCAAAAGAGTTTGGGTGCATTTTCAGATAAAATGCCAAATAGCCATTTCACGCAAATG
ThrGlnLysSerLeuGlyAlaPheSerAspLysMetProAsnSerHisPheThrGlnMet

70                     90                     110
GTAGGGAATTATGAATTGAAAATTGCAGAAAGTACTGAAACACATTTAGTAGGTATAAAA
ValGlyAsnTyrGluLeuLysIleAlaGluSerThrGluThrHisLeuValGlyIleLys

130                    150                    170
AACAATGATAATGAAGTCATTGCAGCTTGTTTATTAACTGCAGTACCAGTAATGAAATTC
AsnAsnAspAsnGluValIleAlaAlaCysLeuLeuThrAlaValProValMetLysPhe

190                    210                    230
TTTAAGTATTTTTATACTAATAGAGGTCCGGTTATAGATTTTGAAAATAAAGAATTAGTG
PheLysTyrPheTyrThrAsnArgGlyProValIleAspPheGluAsnLysGluLeuVal

250                    270                    290
CATTACTTTTTCAATGAACTATCTAAATATGTGAAAAAACATAATGCGCTTTATTTAAGA
HisTyrPhePheAsnGluLeuSerLysTyrValLysLysHisAsnAlaLeuTyrLeuArg

310                    330                    350
GTTGATCCTTATTTAGCATATCAATACCGTAATCATGATGGTGAGGTATTGGAAAATGCA
ValAspProTyrLeuAlaTyrGlnTyrArgAsnHisAspGlyGluValLeuGluAsnAla

370                    390                    410
GGACATGATTGGATTTTCGATAAAATGAAGCAGCTTGGATATAAACACCAAGGATTTTTA
GlyHisAspTrpIlePheAspLysMetLysGlnLeuGlyTyrLysHisGlnGlyPheLeu

430                    450                    470
ACTGGTTTCGATTCAATTATTCAAATTAGGTTCCACTCTGTACTGGATTTAGTAGGTAAA
ThrGlyPheAspSerIleIleGlnIleArgPheHisSerValLeuAspLeuValGlyLys

490                    510                    530
ACTGCTAAAGATGTACTAAATGGTATGGATAGTTTACGTAAACGTAATACTAAAAAAGTA
ThrAlaLysAspValLeuAsnGlyMetAspSerLeuArgLysArgAsnThrLysLysVal

550                    570                    590
CAAAAAAATGGCGTGAAAGTAAGGTTCTTAAGGGAAGATGAGTTGCCAATTTTCCGTTCA
GlnLysAsnGlyValLysValArgPheLeuArgGluAspGluLeuProIlePheArgSer

610                    630                    650
TTCATGGAAGATACATCTGAAACTAAAGACTTTGACGATAGAGACGATGGCTTTTACTAC
PheMetGluAspThrSerGluThrLysAspPheAspAspArgAspAspGlyPheTyrTyr

670                    690                    710
AATAGATTAAGGTATTATAAAGATCGCGTATTAGTACCTCTAGCTTATATGGATTTCAAT
AsnArgLeuArgTyrTyrLysAspArgValLeuValProLeuAlaTyrMetAspPheAsn
```

```
730                                 750                                 770
GAATATATTGAAGAATTGCAAGCTGAACGTGAGGTGTTAAGCAAAGATATCAATAAAGCA
GluTyrIleGluGluLeuGlnAlaGluArgGluValLeuSerLysAspIleAsnLysAla

790                                 810                                 830
GTAAAAGATATCGAGAAAAGACCTGAAAATAAAAAAGCATATAATAAAAAAGATAATCTA
ValLysAspIleGluLysArgProGluAsnLysLysAlaTyrAsnLysLysAspAsnLeu

850                                 870                                 890
GAGAAACAACTTATAGCGAATCAACAAAAAATTGATGAAGCTAAAACTCTACAAGAGAAG
GluLysGlnLeuIleAlaAsnGlnGlnLysIleAspGluAlaLysThrLeuGlnGluLys

910                                 930                                 950
CATGGTAACGAACTACCAATCTCAGCAGCATATTTCATCATTAACCCTTATGAAGTAGTG
HisGlyAsnGluLeuProIleSerAlaAlaTyrPheIleIleAsnProTyrGluValVal

970                                 990                                 1010
TATTATGCGGGTGGAACGTCAAATGAGTTTAGACATTTTGCTGGTAGTTATGCCATTCAA
TyrTyrAlaGlyGlyThrSerAsnGluPheArgHisPheAlaGlySerTyrAlaIleGln

1030                                1050                                1070
TGGAAGATGATTAACTATGCTATTGACCATAATATTGATAGATATAATTTTTATGGAATT
TrpLysMetIleAsnTyrAlaIleAspHisAsnIleAspArgTyrAsnPheTyrGlyIle

1090                                1110                                1130
AGTGGTCATTTTACAGAAGATGCAGAAGATGCCGGTGTAGTTAAATTTAAAAAAGGATTT
SerGlyHisPheThrGluAspAlaGluAspAlaGlyValValLysPheLysLysGlyPhe

1150                                1170                                1190
AATGCGGATGTAGTGGAATATGTTGGTGATTTTATTAAACCAATCAATAAACCAATGTAC
AsnAlaAspValValGluTyrValGlyAspPheIleLysProIleAsnLysProMetTyr

1210                                1230                                1250
AAAATTTATACGACATTAAAGAAAATTAAAGATAAAAAGAAATAAACATTTAATAGAAGG
LysIleTyrThrThrLeuLysLysIleLysAspLysLysLysEndThrPheAsnArgArg

1270                                1290
GAACTAAGCTAGAATGAAATTTACAGAGTTAAACC
GluLeuSerEndAsnGluIleTyrArgValLys
```

FIG.8b

S. capitis FIG.9a

10 30 50

ACAGCTAAAGAATTTAGTGACTTTACTGATCAAATGCCTTATAGCCATTTTACTCAGATG
ThrAlaLysGluPheSerAspPheThrAspGlnMetProTyrSerHisPheThrGlnMet

70 90 110

GAAGGTAATTATGAACTTAAAGTTGCTGAAGGTACGGATTCACATCTCGTAGGAATTAAA
GluGlyAsnTyrGluLeuLysValAlaGluGlyThrAspSerHisLeuValGlyIleLys

130 150 170

AATAATGACAACCAAGTGATTGCAGCATGTTTATTAACTGCTGTACCTGTAATGAAAATT
AsnAsnAspAsnGlnValIleAlaAlaCysLeuLeuThrAlaValProValMetLysIle

190 210 230

TTTAAATATTTTTACTCAAATCGCGGGCCAGTGATTGATTATGATAATAAAGAGCTTGTT
PheLysTyrPheTyrSerAsnArgGlyProValIleAspTyrAspAsnLysGluLeuVal

250 270 290

CACTTTTTCTTTAATGAATTAAGTAAATATGTAAAAAAGCATAATTGTCTTTATCTAAGA
HisPhePhePheAsnGluLeuSerLysTyrValLysLysHisAsnCysLeuTyrLeuArg

310 330 350

GTTGACCCTTATCTTCCTTATCAATACTTAAATCATGACGGTGAAATTATTGGAAATGCT
ValAspProTyrLeuProTyrGlnTyrLeuAsnHisAspGlyGluIleIleGlyAsnAla

370 390 410

GGCCATGATTGGTTTTTCAATAAGATGGAAGAATTAGGATTTGAACATGAAGGCTTTCAT
GlyHisAspTrpPhePheAsnLysMetGluGluLeuGlyPheGluHisGluGlyPheHis

430 450 470

AAAGGCTTCCATCCTATCTTACAAGTAAGATATCATTCAGTTTTAGATTTAAAAGATAAA
LysGlyPheHisProIleLeuGlnValArgTyrHisSerValLeuAspLeuLysAspLys

490 510 530

ACGGCTAAAGATGTACTCAAAGGAATGGATAGTTTAAGAAAGCGTAATACTAAGAAAGTA
ThrAlaLysAspValLeuLysGlyMetAspSerLeuArgLysArgAsnThrLysLysVal

550 570 590

CAAAAAAATGGTGTCAAAGTCCGTTTCCTATCCGAAGATGAATTACCTATCTTTAGATCA
GlnLysAsnGlyValLysValArgPheLeuSerGluAspGluLeuProIlePheArgSer

610 630 650

TTTATGGAAGATACTACAGAAACGAAAGAGTTCGCCGATAGAGATGATAGTTTCTATTAT
PheMetGluAspThrThrGluThrLysGluPheAlaAspArgAspAspSerPheTyrTyr

```
670                 690                 710
    .         .         .         .         .         .
AATCGATTAAAATACTTTAAAGATAGAGTATTAGTACCATTAGCATATGTTGACTTCGAT
AsnArgLeuLysTyrPheLysAspArgValLeuValProLeuAlaTyrValAspPheAsp

730                 750                 770
    .         .         .         .         .         .
GAGTATATTGAAGAACTTAATAATGAAAGAGATGTTCTTAATAAAGATTTAAATAAGGCG
GluTyrIleGluGluLeuAsnAsnGluArgAspValLeuAsnLysAspLeuAsnLysAla

790                 810                 830
    .         .         .         .         .         .
CTCAAAGATATTGAGAAGAGACCTGATAATAAGAAAGCTTATAACAAAAGAGATAATCTT
LeuLysAspIleGluLysArgProAspAsnLysLysAlaTyrAsnLysArgAspAsnLeu

850                 870                 890
    .         .         .         .         .         .
CAACAACAATTAGATGCAAATCAACAAAAAATTGATGAAGCTAAAAACTTACAACAAGAA
GlnGlnGlnLeuAspAlaAsnGlnGlnLysIleAspGluAlaLysAsnLeuGlnGlnGlu

910                 930                 950
    .         .         .         .         .         .
CATGGTAATGAATTACCTATTTCAGCTGGATATTTCTTCATTAATCCGTTTGAAGTTGTT
HisGlyAsnGluLeuProIleSerAlaGlyTyrPhePheIleAsnProPheGluValVal

970                 990                 1010
    .         .         .         .         .         .
TATTACGCAGGTGGCACATCGAATCGTTATCGTCACTATGCCGGAAGTTATGCAATTCAA
TyrTyrAlaGlyGlyThrSerAsnArgTyrArgHisTyrAlaGlySerTyrAlaIleGln

1030                1050                1070
    .         .         .         .         .         .
TGGAAAATGATAAACTATGCTTTAGAACATGGAATTAACCGTTATAATTTTTATGGAGTT
TrpLysMetIleAsnTyrAlaLeuGluHisGlyIleAsnArgTyrAsnPheTyrGlyVal

1090                1110                1130
    .         .         .         .         .         .
AGTGGGGACTTCAGTGAAGACGCTGAAGATGTAGGAGTAATTAAGTTCAAAAAAGGCTAT
SerGlyAspPheSerGluAspAlaGluAspValGlyValIleLysPheLysLysGlyTyr

1150                1170                1190
    .         .         .         .         .         .
AATGCTGATGTTATTGAATATGTAGGTGATTTTATCAAGCCAATCAATAAACCTATGTAT
AsnAlaAspValIleGluTyrValGlyAspPheIleLysProIleAsnLysProMetTyr

1210                1230                1250
    .         .         .         .         .         .
GCAATCTATAACGCACTTAAAAAGTTAAAGAAATAGATTTTTTTACCAACCCAATTATCT
AlaIleTyrAsnAlaLeuLysLysLeuLysLysEndIlePheLeuProThrGlnLeuSer

1270
    .         .
AATTATGAAATTTACAGAGTTAA
AsnTyrGluIleTyrArgVal
```

FIG.9b

S. schleiferi

FIG.10a

```
          10                                30                                50
           .                 .                .                .                .
ACGACGGCTGAATTTGGTGCGTTTACAGATCAAATGCCATATAGCCATTTCACGCAAATG
ThrThrAlaGluPheGlyAlaPheThrAspGlnMetProTyrSerHisPheThrGlnMet

          70                                90                               110
           .                 .                .                .                .
GTAGGGAACTATGAATTAAAGGTTGCTGAAGGTGTTGAAACACATCTTGTCGGCATTAAA
ValGlyAsnTyrGluLeuLysValAlaGluGlyValGluThrHisLeuValGlyIleLys

         130                               150                               170
           .                 .                .                .                .
GATAACAACAATAACGTACTAGCAGCATGTTTACTGACAGCAGTGCCAGTAATGAAGTTT
AspAsnAsnAsnAsnValLeuAlaAlaCysLeuLeuThrAlaValProValMetLysPhe

         190                               210                               230
           .                 .                .                .                .
TTTAAATATTTTTATTCAAACCGCGGACCAGTCATGGACTACGAAAATAAAGAGCTCGTT
PheLysTyrPheTyrSerAsnArgGlyProValMetAspTyrGluAsnLysGluLeuVal

         250                               270                               290
           .                 .                .                .                .
CATTTCTTTTTTAATGAACTTTCAAAATATGTTAAGAAATATCACGCATTGTATTTGAGA
HisPhePhePheAsnGluLeuSerLysTyrValLysLysTyrHisAlaLeuTyrLeuArg

         310                               330                               350
           .                 .                .                .                .
GTAGACCCTTATTTACCAATGTTAAAGCGAAACCATGATGGTGAAGTGATTGAAAGATAC
ValAspProTyrLeuProMetLeuLysArgAsnHisAspGlyGluValIleGluArgTyr

         370                               390                               410
           .                 .                .                .                .
GGCAGTGACTGGTTTTTTGATAAAATGGCTGAATTAAACTTTGAACATGAAGGTTTCACA
GlySerAspTrpPhePheAspLysMetAlaGluLeuAsnPheGluHisGluGlyPheThr

         430                               450                               470
           .                 .                .                .                .
ACTGGGTTTGATACAATAAGGCAAATTCGTTTTCATTCTGTGCTCGATGTTGAAAATAAA
ThrGlyPheAspThrIleArgGlnIleArgPheHisSerValLeuAspValGluAsnLys

         490                               510                               530
           .                 .                .                .                .
ACATCAAAAGACATCTTAAATCAAATGGATAATTTAAGGAAAAGAAATACGAAAAAAGTA
ThrSerLysAspIleLeuAsnGlnMetAspAsnLeuArgLysArgAsnThrLysLysVal

         550                               570                               590
           .                 .                .                .                .
CAGAAAAAATGGTGTGAAAGTCCGCTATCTAAACGAAGATGAATTACATATTTTCCGTTCG
GlnLysAsnGlyValLysValArgTyrLeuAsnGluAspGluLeuHisIlePheArgSer

         610                               630                               650
           .                 .                .                .                .
TTTATGGAAGATACATCTGAAACAAAAGATTTTGTAGATAGAGATGACGATTTTTATTAT
PheMetGluAspThrSerGluThrLysAspPheValAspArgAspAspAspPheTyrTyr

         670                               690                               710
           .                 .                .                .                .
CATCGTATGAAATACTATAAAGATCGTGTCCGCGTACCACTAGCGTATATTGATTTTAAT
HisArgMetLysTyrTyrLysAspArgValArgValProLeuAlaTyrIleAspPheAsn
```

```
730                           750                           770
  .            .            .            .            .            .
GCATATTTAGCAGAGCTCAACACTGAAGCGCAAGACTTTAAAAAAGAAATTGCAAAAGCA
AlaTyrLeuAlaGluLeuAsnThrGluAlaGlnAspPheLysLysGluIleAlaLysAla

790                           810                           830
  .            .            .            .            .            .
GATAAAGACATCGACAAGCGTCCTGAAAATCAGAAAGCCATAAATAAAAAGAAAAATTTA
AspLysAspIleAspLysArgProGluAsnGlnLysAlaIleAsnLysLysLysAsnLeu

850                           870                           890
  .            .            .            .            .            .
GAGCAACAACTAGAAGCGAATCAAGCTAAAATAAAAGAAGCAGAAACATTGCAACTTAAA
GluGlnGlnLeuGluAlaAsnGlnAlaLysIleLysGluAlaGluThrLeuGlnLeuLys

910                           930                           950
  .            .            .            .            .            .
CACGGTGACACATTACCGATTTCGGCTGGATTCTTTATTATTAATCCATTTGAGGTTGTT
HisGlyAspThrLeuProIleSerAlaGlyPhePheIleIleAsnProPheGluValVal

970                           990                          1010
  .            .            .            .            .            .
TATTATGCAGGCGGCACAGCAAACGAATTTCGTCATTTTGCTGGAAGCTACGCAGTGCAA
TyrTyrAlaGlyGlyThrAlaAsnGluPheArgHisPheAlaGlySerTyrAlaValGln

1030                          1050                          1070
  .            .            .            .            .            .
TGGGAAATGATTAATTATGCGATTGATTATCAAATTCCAAGATATAACTTTTATGGCATT
TrpGluMetIleAsnTyrAlaIleAspTyrGlnIleProArgTyrAsnPheTyrGlyIle

1090                          1110                          1130
  .            .            .            .            .            .
AGTGGTGATTTTTCAGAAGATGCAGAAGATGCAGGTGTGATAAAATTTAAAAAAGGCTAT
SerGlyAspPheSerGluAspAlaGluAspAlaGlyValIleLysPheLysLysGlyTyr

1150                          1170                          1190
  .            .            .            .            .            .
AATGCAGAAGTAATAGAATATGTCGGTGATTTTATTAAGCCTATAAACAAACCTGCCTAT
AsnAlaGluValIleGluTyrValGlyAspPheIleLysProIleAsnLysProAlaTyr

1210                          1230                          1250
  .            .            .            .            .            .
ACAGTCTACTTAAAATTAAAGCAATTAAAAGACAAGATAAAAAGATAAGATATAGCAAAG
ThrValTyrLeuLysLeuLysGlnLeuLysAspLysIleLysArgEndAspIleAlaLys

1270                          1290
  .            .            .
AGAAGGGGATTTATTGGTATGAAATTTACAGAGTTAA
ArgArgGlyPheIleGlyMetLysPheThrGluLeu
```

FIG.10b

S. sciuri

FIG.11a

```
        10                                30                                50
         .                .                .                .                .                .
ACACTGGAATTTGAAGCTTTTACAAATAAAATGCCGTACGCGCATTTTACACAAGCAGTA
ThrLeuGluPheGluAlaPheThrAsnLysMetProTyrAlaHisPheThrGlnAlaVal

        70                                90                               110
         .                .                .                .                .                .
GGTAATTATGAATTAAAAACATCTGAAGGTACTTCAACACATTTAGTAGGGGTCAAAGAT
GlyAsnTyrGluLeuLysThrSerGluGlyThrSerThrHisLeuValGlyValLysAsp

       130                               150                               170
         .                .                .                .                .                .
AATCAAGGTGAAGTATTAGCTGCGTGTCTGTTAACAAGTGTACCAGTTATGAAGAAATTT
AsnGlnGlyGluValLeuAlaAlaCysLeuLeuThrSerValProValMetLysLysPhe

       190                               210                               230
         .                .                .                .                .                .
AATTACTTTTACTCAAATAGAGGACCAGTAATGGATTATGACAACAAAGAACTTGTTGAC
AsnTyrPheTyrSerAsnArgGlyProValMetAspTyrAspAsnLysGluLeuValAsp

       250                               270                               290
         .                .                .                .                .                .
TTTTTCTTTAAAGAAATCGTGAGCTATTTAAAAAGTTATAAAGGATTATTCTTTAGAATC
PhePhePheLysGluIleValSerTyrLeuLysSerTyrLysGlyLeuPhePheArgIle

       310                               330                               350
         .                .                .                .                .                .
GATCCTTACTTGCCATATCAACTAAGAGATCATGATGGCAATATTAAAAAATCATTCAAC
AspProTyrLeuProTyrGlnLeuArgAspHisAspGlyAsnIleLysLysSerPheAsn

       370                               390                               410
         .                .                .                .                .                .
CGTGATGGTTTAATTAAACAATTTGAATCATTAGGTTATGAACACCAAGGCTTCACAACT
ArgAspGlyLeuIleLysGlnPheGluSerLeuGlyTyrGluHisGlnGlyPheThrThr

       430                               450                               470
         .                .                .                .                .                .
GGTTTCCACCCAATACATCAAATTAGATGGCATTCTGTACTTGATTTAGAAAGTATGGAC
GlyPheHisProIleHisGlnIleArgTrpHisSerValLeuAspLeuGluSerMetAsp

       490                               510                               530
         .                .                .                .                .                .
GAAAAGACGCTCATCAAGAACATGGACAGTTTAAGAAAAAGAAATACTAAAAAAGTTCAA
GluLysThrLeuIleLysAsnMetAspSerLeuArgLysArgAsnThrLysLysValGln

       550                               570                               590
         .                .                .                .                .                .
AAAAATGGTGTTAAAGTTCGTTTTCTATCTAAAGATGAAATGCCGATATTCCGTCAATTT
LysAsnGlyValLysValArgPheLeuSerLysAspGluMetProIlePheArgGlnPhe

       610                               630                               650
         .                .                .                .                .                .
ATGGAAGATACTACAGAGAAGAAAGATTTCAACGATCGTGGCGATGACTTCTATTACAAT
MetGluAspThrThrGluLysLysAspPheAsnAspArgGlyAspAspPheTyrTyrAsn
```

```
670                 690                 710
AGATTAAAATACTTTGAAAATGTAAAGATTCCTTTAGCATATATAGACTTTGAAACTTAC
ArgLeuLysTyrPheGluAsnValLysIleProLeuAlaTyrIleAspPheGluThrTyr

730                 750                 770
ATTCCACAATTAGAAAAAGAACATGAACAATACAACAAAGATATTGCAAAAGCTGAAAAA
IleProGlnLeuGluLysGluHisGluGlnTyrAsnLysAspIleAlaLysAlaGluLys

790                 810                 830
GATTTAGAAAAGAAACCAGATAATCAAAAAACGATTAATAAAATAGACAACTTAAAACAA
AspLeuGluLysLysProAspAsnGlnLysThrIleAsnLysIleAspAsnLeuLysGln

850                 870                 890
CAAAGAGAAGCAAATGAAGCTAAATTAGAAGAAGCACTTCAACTACAACAAGAACATGGT
GlnArgGluAlaAsnGluAlaLysLeuGluGluAlaLeuGlnLeuGlnGlnGluHisGly
                                 ''

910                 930                 950
GATACATTACCAATAGCAGCTGGTTTCTTTATTATTAATCCATTTGAAGTTGTATATTAT
AspThrLeuProIleAlaAlaGlyPhePheIleIleAsnProPheGluValValTyrTyr

970                 990                 1010
GCAGGTGGTTCATCGAATGAATATCGTCACTTTGCAGGTAGTTATGCAATTCAGTGGGAA
AlaGlyGlySerSerAsnGluTyrArgHisPheAlaGlySerTyrAlaIleGlnTrpGlu

1030                1050                1070
ATGATTAAATACGCGTTAGATCACAACATTGACCGTTATAACTTCTATGGTATCAGCGGA
MetIleLysTyrAlaLeuAspHisAsnIleAspArgTyrAsnPheTyrGlyIleSerGly

1090                1110                1130
GACTTCTCAGAAGATGCACCTGATGTTGGCGTTATTAAATTTAAAAAAGGTTACAATGCA
AspPheSerGluAspAlaProAspValGlyValIleLysPheLysLysGlyTyrAsnAla

1150                1170                1190
GATGTTTATGAATATATTGGTGATTTCGTTAAACCAATTAATAAACCAGCGTACAAAGCA
AspValTyrGluTyrIleGlyAspPheValLysProIleAsnLysProAlaTyrLysAla

1210                1230                1250
TATACAACACTAAAAAAAGTATTAAAAAAATAAATGATTTTCAGTAAGAGAGGAATTTAG
TyrThrThrLeuLysLysValLeuLysLysEndMetIlePheSerLysArgGlyIleEnd

1270
ATAATATGAAATTTACAGAGTTAA
IleIleEndAsnLeuGlnSerEnd
```

FIG.11b

09/509234

Staphylococcus hominis

```
taaaattttaaaattagtcaactcaaattaaataaagattctaaattaggagttatagagataATGAAGTTTACAAATTTAACAGCTACAGAATTTGGCG 100
                                                                M  K  F  T  N  L  T  A  T  E  F  G  D
ATTTTACTGAAAAAATGCCATATAGCCATTTTACACAGATGACTGAAAATTATGAGTTAAAAGTTGCTGAGAAAACTGAAACTCATTTAGTAGGAATTAA 200
 F  T  E  K  M  P  Y  S  H  F  T  Q  M  T  E  N  Y  E  L  K  V  A  E  K  T  E  T  H  L  V  G  I  K
AAATAAAGATAATGAAGTCATTGCTGCTTGTATGCTAACTGCTGTACCCGTTATGAAAATTTTTAAATATTTTTATTCAAATCGTGGTCCAGTCATTGAT 300
 N  K  D  N  E  V  I  A  A  C  M  L  T  A  V  P  V  M  K  I  F  K  Y  F  Y  S  N  R  G  P  V  I  D
TATGAAAACAAAGAACTCGTTCACTTTTTCTTTAACGAATTAAGTAAATATTTAAAACAACAACATTGTTTATATGTACGTATAGACCCTTATTTGCCTT 400
Y  E  N  K  E  L  V  H  F  F  F  N  E  L  S  K  Y  L  K  Q  Q  H  C  L  Y  V  R  I  D  P  Y  L  P  Y
ATCAATATCGTAATCATGATGGTGATATTACAGGAAATGCTGGGAATGATTGGTTCTTCGATAAAATGAAACAATTAGGATATCAACACGAAGGGTTTAC 500
 Q  Y  R  N  H  D  G  D  I  T  G  N  A  G  N  D  W  F  F  D  K  M  K  Q  L  G  Y  Q  H  E  G  F  T
AACAGGATTTGATCCAATATTACAAATTCGGTTCCATTCAGTTTTAAATTTAAAGGATAAAACTGCTAAAGATGTATTAAATGGAATGGATAGTTTACGA 600
 T  G  F  D  P  I  L  Q  I  R  F  H  S  V  L  N  L  K  D  K  T  A  K  D  V  L  N  G  M  D  S  L  R
AAAAGAAATACTAAAAAAGTCCAAAAAAATGGTGTTAAAGTAAGATTTCTTACTAAAGAAGAATTACCTATTTTCAGATCATTTATGGAAGATACATCAG 700
K  R  N  T  K  K  V  Q  K  N  G  V  K  V  R  F  L  T  K  E  E  L  P  I  F  R  S  F  M  E  D  T  S  E
AGACTAAAGAATTTTCTGATAGAGAGGATAGTTTTTACTATAATCGATTTGATCATTTTAAAGATAGAGTATTAGTACCTCTCGCATATATAAAATTTGA 800
 T  K  E  F  S  D  R  E  D  S  F  Y  Y  N  R  F  D  H  F  K  D  R  V  L  V  P  L  A  Y  I  K  F  D
TGAATATCTTGAAGAACTTCATGCAGAACGTCAGACATTAAATAAAGACTTAAACAAAGCTCTAAAAGATATTGAAAAACGACCAGATAACAAAAAAGCA 900
 E  Y  L  E  E  L  H  A  E  R  Q  T  L  N  K  D  L  N  K  A  L  K  D  I  E  K  R  P  D  N  K  K  A
CAAAATAAAAAAATAAATTTAGAACAGCAATTAAAAGCAAATGAGCAAAAAATTGATGAAGCAACACAACTTCAATTAGAACATGGTAACGAATTACCAA 1000
Q  N  K  K  I  N  L  E  Q  Q  L  K  A  N  E  Q  K  I  D  E  A  T  Q  L  Q  L  E  H  G  N  E  L  P  I
TATCTGCTGGATTCTTCTTTATTAATCCATTTGAAGTTGTATATTATGCAGGTGGAACGTCAAATAAATATAGACACTTCGCTGGAAGTTATGCAGTTCA 1100
 S  A  G  F  F  F  I  N  P  F  E  V  V  Y  Y  A  G  G  T  S  N  K  Y  R  H  F  A  G  S  Y  A  V  Q
ATGGACTATGATTAATTATGCAATTGATCATGGCATTGACCGTTATAATTTTTATGGGATTAGTGGTCATTTTACAGATGATGCTGAAGATGCAGGTGTT 1200
 W  T  M  I  N  Y  A  I  D  H  G  I  D  R  Y  N  F  Y  G  I  S  G  H  F  T  D  D  A  E  D  A  G  V
GTAAAATTTAAAAAAGGATTTAATGCAGATGTAATTGAATATGTTGGTGATTTCGTTAAACCTATAAATAAACCAATGTATTCACTATATACAACACTTA 1300
V  K  F  K  K  G  F  N  A  D  V  I  E  Y  V  G  D  F  V  K  P  I  N  K  P  M  Y  S  L  Y  T  T  L  K
AAAAAATTAAAAAGAGATTGAATTAAGaggggaatagtgagaa            1343
 K  I  K  K  R  L  N  ///
```

FIG.12

Staphylococcus saprophyticus

```
acttgtttagattagaattaaactcgaaaatagaactatagataaataggagtatataaaaaaATGAAATTTACGAATTTAACTGCAAAAGAGTTCGGTG   100
                                                               M  K  F  T  N  L  T  A  K  E  F  G  A
CATTTACGGATAAAATGCCGAATAGTCATTTTACGCAAATGGTTGGAAATTATGAATTGAAAATTGCAGAAAGTACAGAAACACACCTAGTAGGTATTAA   200
 F  T  D  K  M  P  N  S  H  F  T  Q  M  V  G  N  Y  E  L  K  I  A  E  S  T  E  T  H  L  V  G  I  K
GAATAATGATAATGAAGTAATTGCAGCATGTTTACTTACAGCTGTTCCTGTTATGAAATTCTTCAAGTATTTTTATTCCAATAGAGGTCCAGTCATAGAT   300
 N  N  D  N  E  V  I  A  A  C  L  L  T  A  V  P  V  M  K  F  F  K  Y  F  Y  S  N  R  G  P  V  I  D
TTTGAAAATAAAGAACTCGTACATTACTTCTTTAACGAATTAGCAAAATATGTAAAAAAACATAATGCCTTATATTTACGAGTAGATCCTTATCTTGCTT   400
F  E  N  K  E  L  V  H  Y  F  F  N  E  L  A  K  Y  V  K  K  H  N  A  L  Y  L  R  V  D  P  Y  L  A  Y
ATCAATATCGTAATCATGATGGTGAAGTATTAGCAAATGCGGGTCACGATTGGATTTTTGATAAAATGAAACAACTCGGTTATAAGCATGAAGGTTTTTT   500
  Q  Y  R  N  H  D  G  E  V  L  A  N  A  G  H  D  W  I  F  D  K  M  K  Q  L  G  Y  K  H  E  G  F  L
AACTGGCTTTGACCCAATACTTCAAATAAGATTCCATTCTGTTTTAGATTTAGCTGGAAAAACTGCTAAAGACGTACTTAATGGTATGGATAGTTTACGT   600
 T  G  F  D  P  I  L  Q  I  R  F  H  S  V  L  D  L  A  G  K  T  A  K  D  V  L  N  G  M  D  S  L  R
AAACGAAATACTAAAAAAGTACAGAAAAATGGTGTGAAAGTAAGATTTTTAGGTGAAGATGAGTTGCCAATATTCCGCTCATTCATGGAAGATACTTCTG   700
K  R  N  T  K  K  V  Q  K  N  G  V  K  V  R  F  L  G  E  D  E  L  P  I  F  R  S  F  M  E  D  T  S  E
AAACAAAGGATTTTGACGATAGAGATGACGATTTTTATTATAATAGGTTAAGATATTATAAAGATCGTGTGCTTGTCCCATTAGCTTATATGGATTTTGA   800
  T  K  D  F  D  D  R  D  D  D  F  Y  Y  N  R  L  R  Y  Y  K  D  R  V  L  V  P  L  A  Y  M  D  F  D
TGAATATATAACAGAATTAAAGGCTGAACGCGAAGTATTAAGTAAAGATATAAATAAAGCAGTTAAGGATATAGAAAAAAGACCAGAAAATAAAAAAGCG   900
 E  Y  I  T  E  L  K  A  E  R  E  V  L  S  K  D  I  N  K  A  V  K  D  I  E  K  R  P  E  N  K  K  A
TATAATAAAAAAGAAAATTTAGAACAACAACTGATTGCAAACCAACAAAAAATAGATGAAGCCACTGCGTTACAAGAGAAGCATGGTAACGAATTACCGA  1000
Y  N  K  K  E  N  L  E  Q  Q  L  I  A  N  Q  Q  K  I  D  E  A  T  A  L  Q  E  K  H  G  N  E  L  P  I
TTTCTGCAGCTTACTTTATTATTAATCCTTATGAAGTCGTTTACTATGCAGGTGGTACATCTAATGAATTTAGACATTTTGCTGGTAGTTATGCAATACA  1100
 S  A  A  Y  F  I  I  N  P  Y  E  V  V  Y  Y  A  G  G  T  S  N  E  F  R  H  F  A  G  S  Y  A  I  Q
ATGGAAGATGATTAATTATGCTATAGATCATAATATAGATAGATATAATTTTTATGGTATTAGTGGTCATTTTACTGAAGATGCAGAAGATGCAGGTGTT  1200
 W  K  M  I  N  Y  A  I  D  H  N  I  D  R  Y  N  F  Y  G  I  S  G  H  F  T  E  D  A  E  D  A  G  V
GTTAAATTTAAAAAAGGTTTTAATGCAGATGTAGTAGAATATGTTGGTGATTTTATTAAACCGATTAATAAGCCAATGTACAAAATTTATACGACATTGA  1300
V  K  F  K  K  G  F  N  A  D  V  V  E  Y  V  G  D  F  I  K  P  I  N  K  P  M  Y  K  I  Y  T  T  L  K
AAAAAATTAAGGATAAAAAGAAATAAacataaatagaagggaactaagctagaatgaaatttacagagtta          1371
 K  I  K  D  K  K  K  ///
```

FIG.13